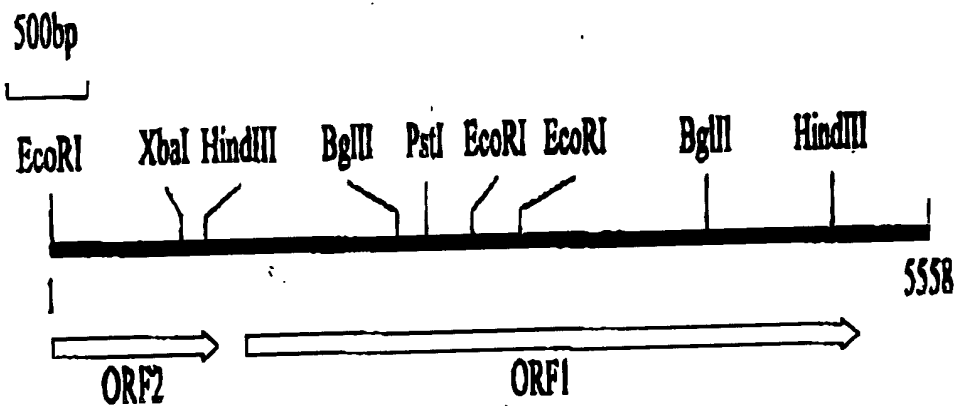


1/17

**Fig 1**

a)

PCR

b)

inverse PCR

c)

EcoRI BglII EcoRI HindIII

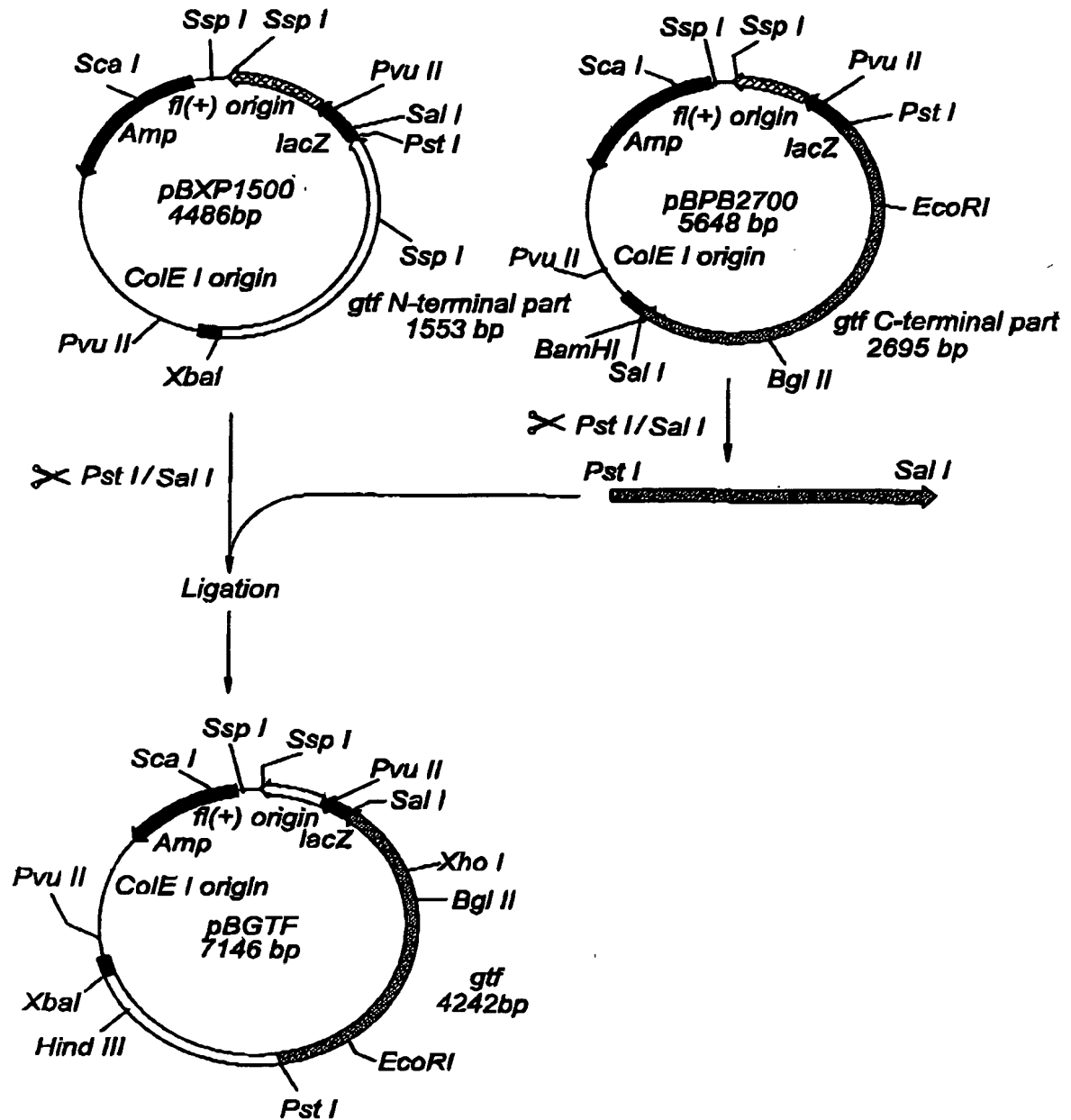
clone 1 clone 2

d)

PCR

inverse PCR

Fig 2



0955749 113904

*Fig.3.1*

3/17

1 ATACATATTTTGGGCTTCTTTTTTTGTTTAAACTGTAAATTGAATTTTATTTGAAAAA  
1 Y I F W A S F F V \* N C K F E F Y L K K  
-35 -10  
61 ATTTTGGCTAGAATTGAAATTCCTTTGAAAAATAAACATCATAGTATTATAATAC  
21 F W L E F E N S L \* K N K T S \* Y Y N T  
RBS start  
121 CGATAATCAAATTGTTTATTTTGATATGAAGGAGATTAAATGGAAATAAAGAAACATTT  
41 D N Q I V Y F D M K E I K M E I K K H F  
181 TAAGTTGTACAAAGCGGCAAACAATGGGTAACAGCAGCAGTGGCTACCGTTGCCGTTTC  
61 K L Y K S G K Q W V T A A V A T V A V S  
241 AACTGCGCTTCTTTACGGAGGAGTTGCGCATGCTGACCAACAAGTTCAGCAAGCTTCCAC  
81 T A L L Y G G V A H A D Q Q V Q Q A S T  
301 GACTCAAGACCAAACCTTCTACCGTAAATAATGATACTGATAAACAGTAGCTTTAGATAC  
101 T Q D Q T S T V N N D T D K T V A L D T  
361 TAATACTGACCAGTCAGCTCAAACAAGTATAAAAAACAAGTAGTATCAAATACTAACCA  
121 N T D Q S A Q T T D K K Q V V S N T N Q  
421 AAGCAAACTGATGACACTTCAACAGCTGATAAGAATTCTACTTCTACACCTGTTTCTGT  
141 S K T D D T S T A D K N S T S T P V S V  
481 TTTGCCATCTAATAATACTGAAAAACAAGCTAAAAATTATAATGAGCAAGACAAAGGAAA  
161 L P S N N T E K Q A K N Y N E Q D K G N  
541 CTATGGGAATATTGATACTGCTTACTTTAGCAATAATCAATTGCATGTTTCAGGATGGAA  
181 Y G N I D T A Y F S N N Q L H V S G W N  
601 TGCAACGAACGCATCTCAAGGAACAAACAGTCGACAAATCATTGTGCGTGATATCACAAC  
201 A T N A S Q G T N S R Q I I V R D I T T  
661 CAATAATGAATTAGGTCGCACTGATGTAACAAACAATGTTGCACGCCAGACGTTAAGAA  
221 N N E L G R T D V T N N V A R P D V K N

0995749.4.734

4/17

*Fig.3.2*

721 TG TTCATAATGTTTATAACGCTGATAATTCTGGATTGATGTTAATGTCAATATTGACTT  
241 V H N V Y N A D N S G F D V N V N I D F

781 TAGCAAGATGAAAGATTATCGGGATTCAATTGAAATTGTTAGTCGATACAGTGGAAACGG  
261 S K M K D Y R D S I E I V S R Y S G N G

841 TAAATCTGTTGACTGGTGGTCCCAACCGATCACTTTTGACAAAACAACCTATGCTTATCT  
281 K S V D W W S Q P I T F D K N N Y A Y L

901 TGATACATTTGAAGTGAAAAATGGCGAATTACATGCAACCGGATGGAATGCTACTAATAG  
301 D T F E V K N G E L H A T G W N A T N S

961 TCGGATTA ACTATAATCACCATTTTGTGATTTTGTGTTGATCAAACGAATGGTAAAGAAGT  
321 A I N Y N H H F V I L F D Q T N G K E V

1021 AGCACGACAAGAAGTTCGTGAAGGTCAATCAGGCCAGATGTTGCTAAGGTATATCCACA  
341 A R Q E V R E G Q S R P D V A K V Y P Q

1081 AGTAGTTGGTGCTGCCAACTCAGGCTTTAATGTGACATTTAATATCAGTGATTTAGATTA  
361 V V G A A N S G F N V T F N I S D L D Y

1141 TACTCACCAGTACCAAGTTCTTAGTCGTTACAGCAATTCTGATAATGGCGAAGGTGATAA  
381 T H Q Y Q V L S R Y S N S D N G E G D N

1201 CGTTACCTACTGGTTTAATCCACAATCCATTGCTCCTGCTAATCAAAGTAACCAGGGTTA  
401 V T Y W F N P Q S I A P A N Q S N Q G Y

1261 TCTAGACTCATTGATATTAGTAAAAATGGTGAAGTAACAGTAACCTGGATGGAACGCTAC  
421 L D S F D I S K N G E V T V T G W N A T

1321 TGACTTGT CAGAATTACAAAACAACCATTATGTGATTCTATTTGATCAGACAGCAGGCAA  
441 D L S E L Q N N H Y V I L F D Q T A G K

CGGCTTGAAGT

# Fig.3.3

5/17

1381 ACAAGTTGCATCTGCTAAAGCTGATTTAATTTACGTCAGATGTTGCTAAAGCTTATCC  
461 Q V A S A K A D L I S R P D V A K A Y P

1441 AACAGTAAAAACAGCTACAAATCTGGCTTCAAGGTAACATTTAAGGTTAATAACTTACA  
481 T V K T A T N S G F K V T F K V N N L Q

1501 ACCGGGTCACCAATACAGCGTTGTAAGTCGTTTCTCTGCCGATGAAAATGGTAATGGTAA  
501 P G H Q Y S V V S R F S A D E N G N G N

1561 TGATAAGCGCCATACAGATTACTGGTTTAGTCCAGTAATATTAAACCAGACTGCTTCAAA  
521 D K R H T D Y W F S P V I L N Q T A S N

1621 CATTGATACTATTACAATGACATCTAATGGTTTACATATTGCAGGTTGGATGGCAAGTGA  
541 I D T I T M T S N G L H I A G W M A S D

1681 TAACTCAATTAATGAAACAACCTCCATACGCTATTATCCTCAATAATGGAAAAGAAGTTAC  
561 N S I N E T T P Y A I I L N N G K E V T

1741 TCGTCAAAAGATGAGCTTAACCGCCCGTCCAGATGTAGCAGCAGTATATCCTTCACTTTA  
581 R Q K M S L T A R P D V A A V Y P S L Y

1801 TAATAGTGCTGTAGTGGTTTTGACACTACTATTAAATTGACTAATGATCAATATCAAGC  
601 N S A V S G F D T T I K L T N D Q Y Q A

1861 GCTTAATGGCCAATTACAAGTATTGTTACGTTTTTCTAAAGCTGCTGATGGTAATCCAAG  
621 L N G Q L Q V L L R F S K A A D G N P S

1921 TGGTGATAATACTGTAACTGATCAATTTAGTAAAAATTATGCAACTACTGGTGGAAACTT  
641 G D N T V T D Q F S K N Y A T T G G N F

1981 TGA CTATGTAAAAGTAAATGGTAATCAAGTTGAATTTAGTGGTTGGCACGCAACTAACCA  
661 D Y V K V N G N Q V E F S G W H A T N Q

0955749 "13904

*Fig.3.4*

2041 ATCAAATGATAAAGATTACAAATGGATTATTGTTTTAGTTAATGGTAAGGAAGTAAAGCG  
 681 S N D K D S Q W I I V L V N G K E V K R  
  
 2101 TCAATTAGTTAATGATACTAAAGAGGGAGCTGCTGGCTTCAACCGAAACGATGTCTACAA  
 701 Q L V N D T K E G A A G F N R N D V Y K  
  
 2161 AGTAAATCCAGCTATTGAAAACAGTTCTATGTCTGGATTCCAAGGCATTATTACTTTACC  
 721 V N P A I E N S S M S G F Q G I I T L P  
  
 2221 TGTGACAGTTAAAAACGAAAATGTCCAACCTTGTTTCATCGGTTTAGTAACGATGTGAAGAC  
 741 V T V K N E N V Q L V H R F S N D V K T  
  
 2281 TGSTGAAGGTAACCTATGTTGATTTCTGGTCAGAGCTAATGCCTGTTAAGGATAGCTTCCA  
 761 G E G N Y V D F W S E L M P V K D S F Q  
  
 2341 AAAGGGGAATGGCCCACTTAAGCAATTTGGCTTACAAACTATTAACGGTCAACAATATTA  
 781 K G N G P L K Q F G L Q T I N G Q Q Y Y  
  
 2401 TATTGACCCAACAACCTGGTCAACCACGTAAGAATTTCTTATTACAAAGTGGAAATAATTG  
 801 I D P T T G Q P R K N F L L Q S G N N W  
  
 2461 GATTTACTTTGATAGTGATACTGGTGTGGGTACTAATGCACTTGAATTACAATTTGCAAA  
 821 I Y F D S D T G V G T N A L E L Q F A K  
  
 2521 GGGAACTGTTTCATCTAATGAACAATACCGTAACGGTAATGCAGCTTACAGTTATGATGA  
 841 G T V S S N E Q Y R N G N A A Y S Y D D  
  
 2581 CAAGAGTATCGAAAATGTAAATGGTTACTTAACAGCAGATACATGGTACCGTCCAAAACA  
 861 K S I E N V N G Y L T A D T W Y R P K Q  
  
 2641 GATCTTAAAGGATGGAACTACCTGGACTGACTCAAAGAAACAGATATGCGACCAATCTT  
 881 I L K D G T T W T D S K E T D M R P I L  
  
 2701 GATGGTATGGTGGCCTAATACTCTTACCCAAGCATACTACCTTAATTACATGAAACAACA

0005749-11501

Fig.3.5

901 M V W W P N T L T Q A Y Y L N Y M K Q H  
2761 TGGTAATTTATTACCATCTGCTTTACCATTCTTTAATGCGGATGCTGATCCTGCAGAATT  
921 G N L L P S A L P F F N A D A D P A E L  
2821 AAATCATTATTCCGAAATTGTGCAACAAATATTGAAAAACGAATTAGTGAAACCGGAAA  
941 N H Y S E I V Q Q N I E K R I S E T G N  
2881 TACTGATTGGTTACGTACTTTAATGCACGATTTTGTACTAACAATCCGATGTGGAATAA  
961 T D W L R T L M H D F V T N N P M W N K  
2941 GGATAGTGAAAATGTAACTTTAGTGGTATTCAATTCCAAGGCGGATTCTTAAAGTATGA  
981 D S E N V N F S G I Q F Q G G F L K Y E  
3001 AAATCAGATTTAACGCCCTTATGCTAACTCTGATTATCGCTTACTTGGTCGGATGCCAAT  
1001 N S D L T P Y A N S D Y R L L G R M P I  
3061 CAATATTAAGGATCAAACATATCGGGGACAAGAATTCCTACTTGCTAACGATATTGATAA  
1021 N I K D Q T Y R G Q E F L L A N D I D N  
3121 CTCTAATCCTGTTGTTCAAGCAGAACAAATTAAGTGGTTATACTATCTCTTGAACCTTGG  
1041 S N P V V Q A E Q L N W L Y Y L L N F G  
3181 AACGATCACAGCTAATAATGATCAAGCTAATTTTGATTCTGTACGGGTAGATGCACCGGA  
1061 T I T A N N D Q A N F D S V R V D A P D  
3241 TAATATTGATGCCGATCTTATGAATATCGCTCAGGACTACTTTAATGCTGCATATGGTAT  
1081 N I D A D L M N I A Q D Y F N A A Y G M  
3301 GGAATCAGATGCTGTCTCAAATAAGCATATTAATATTCTTGAAGACTGGAATCATGCTGA  
1101 D S D A V S N K H I N I L E D W N H A D  
3361 TCCGGAATACTTTAATAAGATCGGAAATCCACAATTGACAATGGATGATACTATTAAGAA  
1121 P E Y F N K I G N P Q L T M D D T I K N

CGGAGTGGTCTTAAAGTATGA

**8/17**

**Fig. 3.6**

3421 TTCCCTGAATCATGGGCTTTCAGATGCAACTAATCGTTGGGGATTAGATGCAATTGTTCA  
1141 S L N H G L S D A T N R W G L D A I V H

3481 TCAGTCATTAGCTGATCGTGAAAATAATTCACGGAAAATGTTGTAATTCCTAATTACAG  
1161 Q S L A D R E N N S T E N V V I P N Y S

3541 TTTCGTTCTGGGCTCACGATAATAATTCTCAAGATCAAATTCAAAATGCTATTCGTGATGT  
1181 F V R A H D N N S Q D Q I Q N A I R D V

3601 AACAGGCAAAGATTACCATACTTTCACTTTTGAAGATGAGCAAAGGGTATTGATGCGTA  
1201 T G K D Y H T F T F E D E Q K G I D A Y

3661 CATTCAAGATCAAATTC AACAGTGAAGAAATATAACCTTTATAATATTCGGGCTTCATA  
1221 I Q D Q N S T V K K Y N L Y N I P A S Y

3721 CGCAATTCCTTTTAACTAACAAGGATACAATTCACGCTGTATACTATGGTGACTTGTATAC  
1241 A I L L T N K D T I P R V Y Y G D L Y T

3781 TGATGGTGGCCAATACATGGAACATCAAACACGTTACTATGATACTTTAACGAACCTGCT  
1261 D G G Q Y M E H Q T R Y Y D T L T N L L

3841 TAAATCACGAGTTAAGTATGTTGCCGGTGGCCAATCAATGCAAACAATGAGCGTTGGCGG  
1281 K S R V K Y V A G G Q S M Q T M S V G G

3901 CAATAATAACATTTTAACTAGTGTTTCGTTATGGTAAAGGTGCGATGACAGCTACTGATAC  
1301 N N N I L T S V R Y G K G A M T A T D T

3961 TGGTACTGATGAAACCAGAACACAAGGTATTGGGGTTGTTGTAAGTAATACGCCAAATCT  
1321 G T D E T R T Q G I G V V V S N T P N L

4021 AAAGCTAGGTGTCAACGATAAAGTAGTTCTTCATATGGGAGCTGCGCACAAGAACCAACA  
1341 K L G V N D K V V L H M G A A H K N Q Q



**9/17**

***Fig.3.7***

4081 ATATCGGGCAGCCGTGTTGACGACAACTGATGGAGTCATTAATTATACTTCTGATCAAGG  
1361 Y R A A V L T T T D G V I N Y T S D Q G

4141 GGCACCGGTTGCAATGACTGACGAGAACGGTGATCTATACTTATCTAGTCATAACCTAGT  
1381 A P V A M T D E N G D L Y L S S H N L V

4201 TGTTAATGGTAAAGAAGAAGCAGATACAGCTGTTCAAGGTTATGCTAACCCCTGATGTTTC  
1401 V N G K E E A D T A V Q G Y A N P D V S

4261 AGGATATCTTGCTGTATGGGTACCAGTTGGAGCAAGTGATAACCAAGATGCTCGAACTGC  
1421 G Y L A V W V P V G A S D N Q D A R T A

4321 TCCATCTACTGAAAAGAATAGTGGTAACTCTGCATACAGAACAAATGCTGCTTTTGATTC  
1441 P S T E K N S G N S A Y R T N A A F D S

4381 AAATGTTATTTTTGAAGCCTTTTCTAACTTTGTCTATACACCAACAAAGGAAAGTGAACG  
1461 N V I F E A F S N F V Y T P T K E S E R

4441 TGCTAATGTTGGAATTGCCAAAATGCTGATTCTTTGCTTCATTAGGTTTTACTTCTTT  
1481 A N V R I A Q N A D F F A S L G F T S F

4501 CGAGATGGCGCCACAATATAATTCAAGTAAAGATCGCACATTCTAGATTCAACAATTGA  
1501 E M A P Q Y N S S K D R T F L D S T I D

4561 TAACGGATATGCGTTTACTGATCGTTATGATCTTGGAAATGAGTGAGCCTAATAAGTACGG  
1521 N G Y A F T D R Y D L G M S E P N K Y G

4621 AACAGATGAAGATCTACGTAATGCCATTCAAGCGCTCCATAAAGCTGGCTTACAAGTAAT  
1541 T D E D L R N A I Q A L H K A G L Q V M

4681 GGCGGATTGGGTTCTGACCAAATCTATAACCTTCTGGAAGAAGTTGCTACAGTCAC  
1561 A D W V P D Q I Y N L P G K E V A T V T

4741 TCGAGTAGATGATCGTGGTAAATGTATGGAAAGATGCTATCATTAAATAATAATCTGTATGT  
1581 R V D D R G N V W K D A I I N N N L Y V

*Fig.3.8*

4801 TGTTAATACTATTGGTGGTGGCGAATACCAGAAGAAGTATGGTGGAGCATTCCCTCGATAA  
 1601 V N T I G G G E Y Q K K Y G G A F L D K  
  
 4861 GTTACAAAACTTTATCCTGAAATCTTCACAAAGAAGCAAGTTTCAACTGGTGTGCTAT  
 1621 L Q K L Y P E I F T K K Q V S T G V A I  
  
 4921 TGATCCTTCACAAAAGATAACTGAATGGTCAGCAAATACTTTAATGGAACAAACATTCT  
 1641 D P S Q K I T E W S A K Y F N G T N I L  
  
 4981 CCATCGTGGTTCTGGTTATGTACTAAAAGCTGATGGTGGTCAATACTACAACCTTAGGTAC  
 1661 H R G S G Y V L K A D G G Q Y Y N L G T  
  
 5041 TACTACAAAGCAATTCTTGCCAATTCAATTAAGTGGTGAAAAGAAACAAGGAAATGAAGG  
 1681 T T K Q F L P I Q L T G E K K Q G N E G  
  
 5101 CTTTGTTAAGGGTAATGATGGAAATTACTACTTCTATGACTTAGCAGGTAATATGGTTAA  
 1701 F V K G N D G N Y Y F Y D L A G N M V K  
  
 5161 GAATACCTTTATTGAAGATAGTGTTGGCAACTGGTACTTCTTTGACCAAGATGGTAAGAT  
 1721 N T F I E D S V G N W Y F F D Q D G K M  
  
 5221 GGTTGAAAATAAACATTTTCGTTGATGTTGATTCTTATGGTGAAAAGGTACTTACTTCTT  
 1741 V E N K H F V D V D S Y G E K G T Y F F  
  
 5281 CTTGAAGAATGGTGTATCATTCCGTGGGGGATTAGTGCAAACCTGACAATGGTACTTATTA  
 1761 L K N G V S F R G G L V Q T D N G T Y Y  
  
 5341 CTTTGATAATTATGGAAAGATGGTACGTAATCAAACCTATTAATGCAGGTGCCATGATTTA  
 1781 F D N Y G K M V R N Q T I N A G A M I Y  
  
 5401 TACCTTAGATGAAAACGGTAAGCTTATAAAGGCTAGTTATAATTCAGATGCCGAATATCC  
 1801 T L D E N G K L I K A S Y N S D A E Y P

0005749 112904  
 105211 6475550

5461 AACTTCAACTGATGTTGGTAAGATGCTTGATCAAAATAAACTATAAATGGAAATAATTAG  
1821 T S T D V G K M L D Q N K L \* M E I I S

5521 CTGATTTCCGTTTCTTAGAATCGAAAGATTTAATAACTGGGGTTAAAACGGCCCTACAAA  
1841 \* F P F L R I E R F N N W G \* N G P T K

5581 ATCTGATATTGATATAGAGATATTATTCCTATATCAATATCAGATTTTGCCTTTTATA  
1861 S D I D I E I L F P I S I S D F C F L \*

5641 AAATTGATTGTGACTAATAAGAATCCGGAAGATAACGTTGTTGTTATATCAGTGGATTTA  
1881 N \* L \* L I R I R K I T L L L Y Q W I \*

5701 AGCAACATGAATTAATTGAAGATGACGGCAATGATTAAAGTCGGTCTGATGATTATTGA  
1901 A T \* I N \* R \* R Q \* L K V G L M I I D

5761 TGTATTACTAGTATTTGGTTTTTATCATTTATATTTTTACTGTTATTGGTGTCTATATTT  
1921 V L L V F G F Y H L Y F Y C Y W C H I F

5821 CCACAATAACAGTAAAGGTATATATGCTAGTTTATTTTTTAAGTAATTATAATATTCTGA  
1941 H N N S K G I Y A S L F F K \* L \* Y S D

5881 TTATAATTTGGAAATATTCGCTTTTAGCAAAAAGGTAGTAAACAGATCAGAATCGTCATT  
1961 Y N L E I F A F S K K V V N R S E S S F

5941 CTGCTTTTCTACTACTAAAAGTCTGTTTTAAATTCTAAACTAAAATAGGCTAAACACTGA  
1981 C F S T T K S L F \* I L N \* N R L N T D

6001 TGTTTATCATTTATATTTTTACTGTT  
2001 V Y H L Y F Y C

0 ↓ ΔΔ

\*\*\*\*\* ,\*\*\*\*\* ,\*,\*\*\*\*\* \*\*\*,\*,\*,\* \* \*\*\*\*\* ,\*\*\*\*\* \*\*, \*\*\*\*, \*\* \*

↓↓↓↓

GTFD	KDASNKNEIRSGLEPVITNSLN-----NRSAEGKNSERMANYIFIRA	582
DSRS	---SD---IRGTMQRFVDYIMV-----DRSNDSTENEAI PNYSFVRA	660
ASR	N-RSN---MWYFLDTGYLNGDLNKKIVDKNRPNSGTLVNRIANS GDTKVI PNYSFVRA	765
GTFA	D-ATN---RWGLDAIVHQS-----LADRENNSTENVVIPNYSFVRA	601

AS 396 FVRS  
-----H6----- --E7--

◆ ↓

---H7-

GTFD	ALMLSNDKSDITRLYYGDMYSDDGQYMATKSPYYDAIDTLKARIKYAAGGQDMKITVEG	700
DSRS	AMLLTNKDTPRVVYGDLYTDGGQYMATKSPYYDAINTLLKARVQYVAGGQ-----	769
ASR	AMLLTNKDTPRVVYGDMYLEGGQYMEKGTIYNPVISALLKARIKYVSGGQTMTDSSGK	885
GTFA	AILLTNKDTPRVVYGDLYTDGGQYMEHQTRYDYDTLNLNLSRVKYVAGGQSMQTMSVG-	716
	* . * . *** . . * . ***** . * . **** . * . *** . * . . *	
AS	488GLPRIYLGD496	
H7-	--E8-	-----H8-----

GTFD	DKSHMDWDYTGVLTSVRYGTGANEATDQGSEATK----	TQGMVITSNNPSLKLNQNDKV	756
DSRS	---SMSVDSNDVLTSVRYGKDAMTASDTGTSETR---	TEGIGVIVSNNAEQLQEDGHTV	822
ASR	DL---KDGETDLLTSVRFKGIMTSDQTTTQDNSQDYKNQ	GIGVIVGNNPDLKLNNDKTI	942
GTFA	-----GNNNILTSVRYGKGAMTATDTGTDETR----	TQGIGVVVSNTPNLKLGVNDKV	765
	*****.*	. . . . *	* . *

GTFD	IVNMGAAHKNQEYRPLLLTTKDGLTSYTSDAAAKSLYRKTND-----K-GELVFD	805
DSRS	TLHMGAAHKNQAYRALLSTTADGLAYYDTDENAPVAYTDAN-----GD LIFT	869
ASR	TLHMGKAHKNQLYRALVLSNDSGIDVYDSDDKAPT LRTNDNGDLIFHKTN T FVKQDGTII	1002
GTFA	VLHMGAAHKNQYRAAVLTTTDGVINYTS DQ GAPVAMTDENG DLYLSSHNLVVNGK-EEA	824
..** ***** ** . . . * . * * *		

14/17

Fig.4.3

GTFD ASDIQGYLNPQVSGYLAVWVPVGASDNQDVRVAASNKANATG-QVYESSSALDSQLIYEG 864  
 DSRS NESIYGVQNPQVSGYLAVWVPVGAQQDQDARTASDTTNTSD-KVFHSNAALDSQVIYEG 928  
 ASR NYEMKGSNLALISGYLGWVPVGASDSQDARTVATESSSSNDGSVFHSNAALDSNVIYEG 1062  
 GTFA DTAVQGYANPDVSGYLAVWVPVGASDNQDARTAPSTEKNSGN-SAYRTNAAEDSNVIFEA 883

\* \* . \*\*\*\* \* \* \* \* . . . \* \* \* \* \*  
 -E1-

GTFD FSNFQDFVTKDSDYTNKKIAQNVQLEKSWGVTSEFEMAPQYVSSDG-----SFLDSIIQN 919  
 DSRS FSNFQAFATDSSEYTNVIAQNAQDFKQWGVTSFQLAPQYRSSTD-----SFLDSIIQN 983  
 ASR FSNFQAMPTSPEQSTNVVIATKANLFKELGITSFELAPQYRSSGDTNYGGMSFLDSFLNN 1122  
 GTFA FSNFVYTPTKESERANVRIAQNADEFFASLGFTSFEMAPQYNSSKDR-----TFLDSTIDN 938

\*\*\*\* \* . \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

AS

134GLTYLHLM<sub>142</sub>

---H1--

--E2-

GTFD GYAFEDRYDLAMSKN--N----KYGSQQDMINAVKALHKSGIQVIADWVPDQ 965  
 DSRS GYAFTDRYDLGYGTP--T----KYGTADQLRDAIKALHASGIQAIADWVPDQ 1029  
 ASR GYAFTDRYDLGFNKADGNPNPTKYGTDQDLRNAIEALHKNGMQAIADWVPDQ 1174  
 GTFA GYAFTDRYDLGMSEP--N----KYGTDEDLRNAIQALHKAGLQVMADWVPDQ 984

\*\*\*\* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \* \*

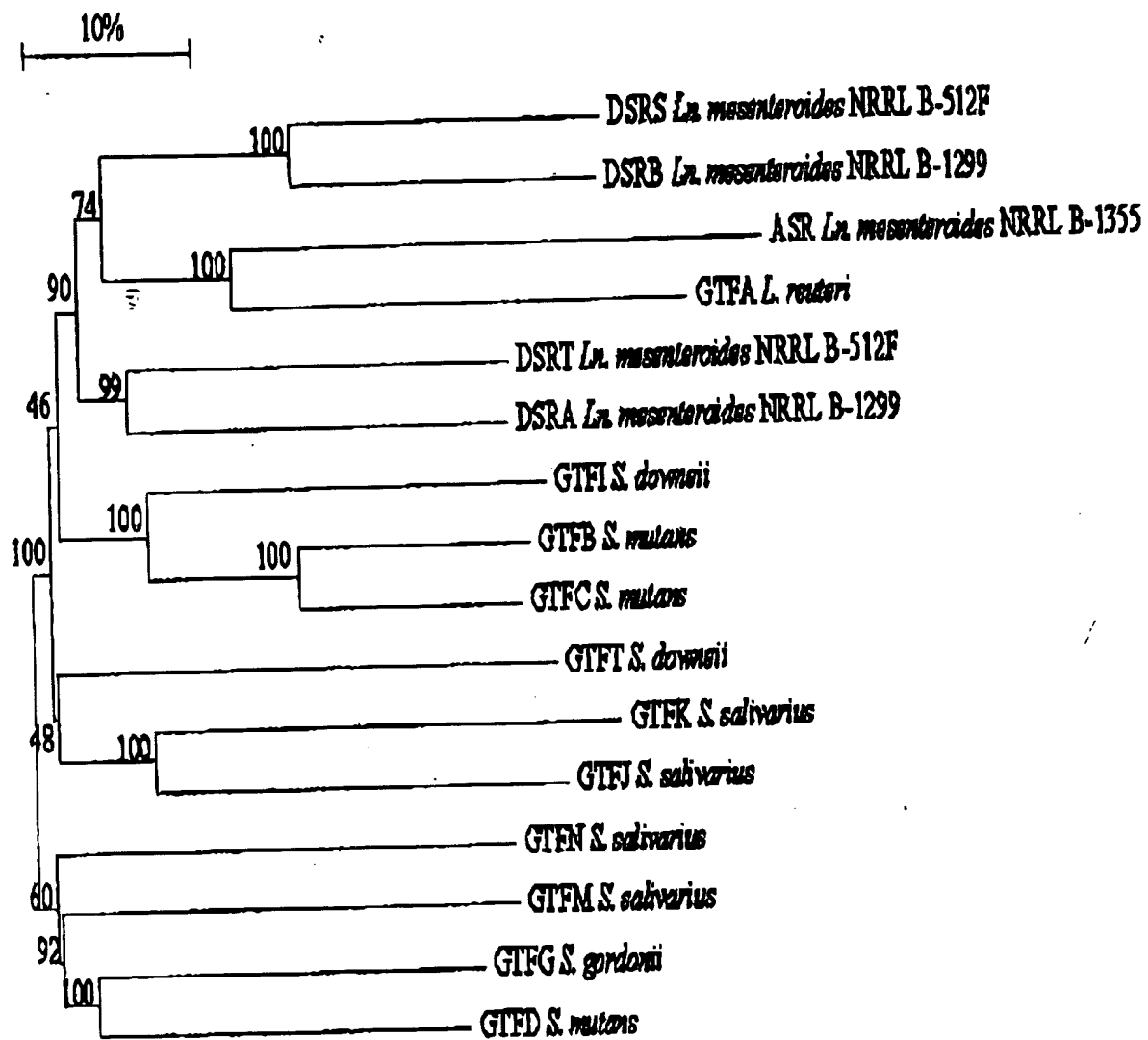
AS

190DEITNH<sub>195</sub>

-----H2----- ---E3--

FOI 14-00000

Fig.5



0995749.1394





17/17

**Fig.6<sub>b</sub>**

0055749.4.2004

